



# STIC Search Report

## Biotech-Chem Library

STIC Database Tracking Number: 103865

To: **Frank Prats**  
Location: **CM1-11B01**  
Art Unit: **1651**  
Tuesday, September 23, 2003

Case Serial Number: 10/069908

From: **Beverly Shears**  
Location: **Biotech-Chem Library**  
**CM1-1E05**  
Phone: **308-4994**

[beverly.shears@uspto.gov](mailto:beverly.shears@uspto.gov)

### Search Notes

CRFE

Access DB# 103865

# SEARCH REQUEST FORM

Scientific and Technical Information Center

Requester's Full Name: FRANCISCO CHANNER PRATS Examiner #: 7618 Date: 7-12-03  
 Art Unit: 4651 Phone Number 308-3665 Serial Number: 101069204  
 Mail Box and Bldg/Room Location: 41301 CM Results Format Preferred (circle): PAPER DISK E-MAIL

If more than one search is submitted, please prioritize searches in order of need. ME  
 \*\*\*\*\*

Please provide a detailed statement of the search topic, and describe as specifically as possible the subject matter to be searched. Include the elected species or structures, keywords, synonyms, acronyms, and registry numbers, and combine with the concept or utility of the invention. Define any terms that may have a special meaning. Give examples or relevant citations, authors, etc, if known. Please attach a copy of the cover sheet, pertinent claims, and abstract.

Title of Invention: MALTOGENIC AMYLASE - MODIFIED STARCH DERIVATIVE

Inventors (please provide full names): SVEN PEDERSEN, HANNE VANG

Earliest Priority Filing Date: 9-1-99

\*For Sequence Searches Only\* Please include all pertinent information (parent, child, divisional, or issued patent numbers) along with the appropriate serial number.

PLEASE SEARCH SEQ ID NO. 1. IT ENCODES AN NA 2160  
 ENZYME CALLED A "MALTOGENIC AMYLASE" FIRST(?)  
 DISCLOSED IN EP 120 693

I NEED TO KNOW IF THAT ENZYME, OR A "VARIANT"  
 HAS BEEN USED TO DIGEST STARCH DERIVATIVES,  
 SUCH AS OCTENYL SUCCINATE DERIVATIVES OF STARCH.

THANKS!

EXR PRATS

*[Signature]*

## STAFF USE ONLY

|                                       | Type of Search        | Vendors and cost where applicable |
|---------------------------------------|-----------------------|-----------------------------------|
| Searcher: <u>BENJAMIN 24994</u>       | NA Sequence (#) _____ | STN _____                         |
| Searcher Phone #: _____               | AA Sequence (#) _____ | Dialog _____                      |
| Searcher Location: _____              | Structure (#) _____   | Questel/Orbit _____               |
| Date Searcher Picked Up: _____        | Bibliographic _____   | DrLink _____                      |
| Date Completed: <u>09-22-03</u>       | Litigation _____      | Lexis/Nexis _____                 |
| Searcher Prep & Review Time: <u>3</u> | Fulltext _____        | Sequence Systems _____            |
| Clerical Prep Time: _____             | Patent Family _____   | WWW/Internet _____                |
| Online Time: <u>20</u>                | Other _____           | Other (specify) <u>CGN</u>        |



























[illegible]





1413 GATGTGGAGGCGTCTTCTGTCACAGAGCGATACAGCAAGTCTGCGCGCT 1472  
 QY 1491 GTATGGAGGAGCGAGTATCGCTTGTACAGAGAGTGGCTGCTGTTACGCGC 1550  
 Db 1473 GCTTATGAGATTCATACGCTTAAAGGGGCGCTGCGAGCTTACATCGAC 1532  
 QY 1581 TGAGCGCTTCTTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 1610  
 Db 1533 GGGGCTTACGAGCTTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 1592  
 QY 1611 TCTCTCAATATGAGATCGCTTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 1670  
 Db 1593 GCGCTGCTTCTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 1652  
 QY 1671 GAGCGAGACGCTGATCTTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 1721  
 Db 1653 TAGACAGACGCTTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 1712  
 QY 1722 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 1781  
 Db 1713 GCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1772  
 QY 1782 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 1841  
 Db 1773 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 1832  
 QY 1836 AACGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1895  
 Db 1833 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 1889  
 QY 1896 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 1955  
 Db 1890 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 1940  
 QY 1956 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 2015  
 Db 1941 GCGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2000  
 QY 2016 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 2075  
 Db 2001 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 2060  
 QY 2076 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 2135  
 Db 2061 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 2117  
 QY 2136 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 2157  
 Db 2118 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 2139

E95907 2058 bp DNA linear PAT 21-882 1397  
 DEFINITION DNA encoding polypeptide which have cyclomaltoextrin  
 DEXTRANSYLTRANSFERASE activity from *Bacillus macerans*.  
 E95907 1 GI:22026134  
 VERSION E95907.1  
 ACCESSION E95907.1  
 KEYWORDS XTDPBDS  
 ORGANISM *Bacillus macerans*  
 Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Penicillaceae; *Bacillus*.  
 Reference Sugita, T. 1958  
 AUTHOR Sugita, T. 1958  
 TITLE DNA CODING POLYPEPTIDES HAVING CYCLOMALTOXYTRIN GLUCOTRANSFERASE  
 ACTIVITY AND RECOMBINANT DNA CONTAINING THE DNA  
 JOURNAL HAYASHIBARA BLOOM INC. 1958  
 COMMENT OS BACILLUS macerans  
 FN JP 139514350-A/4  
 PF 07-SEP-1994 JP 1394238623

P1 SUGIMOTO TOSHIYUKI, KUBOTA MICHIO, SAKAI SHUZO PC  
 C12815/00/C12819/10, C12815/00, C12819/07, C12819/10 C12819/07; CC  
 C12815/00, C12819/10  
 CC hypobacterial; Eukaryot;  
 CC hypobacterial; No;  
 CC anti-sense; No; Location/Qualifiers  
 Key  
 FH source 1..2058  
 FH strain=170A /organism= 'Bacillus macerans' FT  
 FT mat\_peptide 1..2058  
 FT cyclomaltoextrin /note= Polypeptide which have FT  
 FT cyclomaltoextrin /note= Polypeptide which have FT  
 FT Location/Qualifiers  
 /organism= 'Bacillus macerans'  
 /mol\_type= 'genomic DNA'  
 /db\_xref= taxon:44552  
 BASE COUNT 517 a 430 c 244 g 392 t  
 ORIGIN  
 Query Watch 16-18; Size 347 2; DB 6; Length 2058;  
 Best Local Similarity 52.2%; Pred. No. 1.1e-91;  
 Matches 1077; Conservative 0; Mismatches 911; Indels 72; Gaps 11;  
 QY 123 GAGTGGATGATTCAGATATTCATGACGCTTGTACGATCGCTTACGATCGCAAGCAACAA 182  
 Db 42 GATGATGATTCAGATATTCATGACGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCG 98  
 QY 183 TCTTCCCAAGATGATGATTCATGACGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCG 242  
 Db 99 CCGGCGCGCGCGCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCG 302  
 QY 243 CCGGCGCGCGCGCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCG 302  
 Db 159 CTGCGCGCGCGCGCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCG 218  
 QY 303 AATTCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCG 353  
 Db 218 CTGCGCGCGCGCGCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCG 278  
 QY 354 TACAGCGCGCGCGCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCG 413  
 Db 278 CTGCGCGCGCGCGCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCG 338  
 QY 413 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 472  
 Db 338 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 396  
 QY 472 TCTGCT 533  
 Db 396 TATGAT 458  
 QY 533 AGGCGCGCGCGCGCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCG 593  
 Db 458 AGGCGCGCGCGCGCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCG 515  
 QY 593 AGGCGCGCGCGCGCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCG 653  
 Db 515 AGGCGCGCGCGCGCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCGCTTGTACGATCG 573  
 QY 653 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 713  
 Db 573 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 631  
 QY 713 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 773  
 Db 631 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 697  
 QY 773 GATTCAGCGAGTGTGCTACAGCATCGCTTACCGCGCAATGAGATCGT 833



















Dy 601 TTCACCTATGAGGAGATGAGACTGCTGAGACACCGCTGACGAGCGATGAGAAAC 660  
 Db 601 TTCACCTATGAGGAGATGAGACTGAGACACCGCTGAGACGAGCGATGAGAAAC 660  
 Dy 661 TTCAGGATACAGCGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 720  
 Db 661 TTCAGGATACAGCGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 720  
 Dy 661 TTCAGGATACAGCGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 780  
 Db 661 TTCAGGATACAGCGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 780  
 Dy 721 CAGACATGACGAGCGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 780  
 Db 721 CAGACATGACGAGCGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 780  
 Dy 781 GAGGAGGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 840  
 Db 781 GAGGAGGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 840  
 Dy 841 GAGGAGGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 900  
 Db 841 GAGGAGGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 900  
 Dy 901 TCGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 960  
 Db 901 TCGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 960  
 Dy 961 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1020  
 Db 961 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1020  
 Dy 1021 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1080  
 Db 1021 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1080  
 Dy 1081 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1140  
 Db 1081 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1140  
 Dy 1141 GCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1200  
 Db 1141 GCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1200  
 Dy 1201 GAGGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1260  
 Db 1201 GAGGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1260  
 Dy 1261 GCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1320  
 Db 1261 GCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1320  
 Dy 1321 GAGGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1380  
 Db 1321 GAGGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1380  
 Dy 1381 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1440  
 Db 1381 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1440  
 Dy 1441 TCGGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1500  
 Db 1441 TCGGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1500  
 Dy 1501 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1560  
 Db 1501 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1560  
 Dy 1561 TCGGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1620  
 Db 1561 TCGGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1620  
 Dy 1621 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1680  
 Db 1621 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1680  
 Dy 1681 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1740  
 Db 1681 AGGAGAGAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1740

Db 1681 ACCTGATATTTGAGAGATGAGACGCTGAGATCTGAGATCTGAGATCTGAGATCTG 1740  
 Dy 1741 GCTATGATCTCCCAACATGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1800  
 Db 1741 GCTATGATCTCCCAACATGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1800  
 Dy 1741 GCTATGATCTCCCAACATGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1860  
 Db 1741 GCTATGATCTCCCAACATGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1860  
 Dy 1801 TCGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1860  
 Db 1801 TCGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1860  
 Dy 1861 TCGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1920  
 Db 1861 TCGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1920  
 Dy 1921 GAGTGGAGATGAGACAGATGAGTGAAGGAGAGCGCTTAAATGAGGAGAGAGAGAG 1980  
 Db 1921 GAGTGGAGATGAGACAGATGAGTGAAGGAGAGCGCTTAAATGAGGAGAGAGAGAG 1980  
 Dy 1981 CTGGGCGCATTAATGCGGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2040  
 Db 1981 CTGGGCGCATTAATGCGGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2040  
 Dy 2041 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2100  
 Db 2041 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2100  
 Dy 2101 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2160  
 Db 2101 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2160

## RESULT 3

AAAT7399  
 XX AAAT7399 standard; DNA; 2160 BP.

XX AC AAAT7399;

XX XX 04-AUG-2000 (first entry)

DE Bacillus maltogenic alpha-amylase gene.

XX Bacillus maltogenic alpha-amylase, glucan 1,4-alpha-galactohydrolase;  
 EC 3.2.1.133, baking, fermenting plant; Norway, enzymes;  
 KM hydrolyse; anti-sealing; maltose; maltotriose; cyclodextrin; da.  
 XX XX  
 XX XX Bacillus sp. NCIB 11937.

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX

XX XX







QY 241. GC CGG GAT CCG GCG GGT GGT GAT CCA AAT CTT CTA TAA CAG CCG TGG CTA AGC 300  
 DB 241. GC CGG GAT CCG GCG GGT GGT GAT CCA AAT CTT CTA TAA CAG CCG TGG CTA AGC 300  
 QY 301. AG AAT CCG TGT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 360  
 DB 301. AG AAT CCG TGT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 360  
 QY 361. AG AAT CCG TGT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 420  
 DB 361. AG AAT CCG TGT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 420  
 QY 421. ACC CAA TTT GGA CAG CCG TGT CCA AAT CCG CCA AAG CAG CTA GAT GAT CAC 480  
 DB 421. ACC CAA TTT GGA CAG CCG TGT CCA AAT CCG CCA AAG CAG CTA GAT GAT CAC 480  
 QY 481. TTG GCG CCA TTT GCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 540  
 DB 481. TTG GCG CCA TTT GCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 540  
 QY 541. GCG CTT CCA AAT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 600  
 DB 541. GCG CTT CCA AAT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 600  
 QY 601. TTG CCA CCG TGT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 660  
 DB 601. TTG CCA CCG TGT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 660  
 QY 661. TTG CCA CCG TGT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 720  
 DB 661. TTG CCA CCG TGT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 720  
 QY 721. CAA TACT CCA CCG TGT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 780  
 DB 721. CAA TACT CCA CCG TGT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 780  
 QY 781. GAT GCG TGA ACG TTT TAA TCG GCG TTT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 840  
 DB 781. GAT GCG TGA ACG TTT TAA TCG GCG TTT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 840  
 QY 841. AAG AAG GAT CTT CCG TGT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 900  
 DB 841. AAG AAG GAT CTT CCG TGT CCG CCG TTT TGG AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 900  
 QY 901. CCG TGA AAG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 960  
 DB 901. CCG TGA AAG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 960  
 QY 961. ACG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1020  
 DB 961. ACG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1020  
 QY 1021. GCG ACA CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1080  
 DB 1021. GCG ACA CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1080  
 QY 1081. CAG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1140  
 DB 1081. CAG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1140  
 QY 1141. GCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1200  
 DB 1141. GCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1200  
 QY 1201. GCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1260  
 DB 1201. GCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1260  
 QY 1261. GCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1320  
 DB 1261. GCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1320  
 QY 1321. GCG CCA CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1380

DB 1321. GCG CCA CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1380  
 QY 1381. ACG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1440  
 DB 1381. ACG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1440  
 QY 1441. ACG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1500  
 DB 1441. ACG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1500  
 QY 1501. ACG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1560  
 DB 1501. ACG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1560  
 QY 1561. TCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1620  
 DB 1561. TCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1620  
 QY 1621. ACG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1680  
 DB 1621. ACG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1680  
 QY 1681. ACG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1740  
 DB 1681. ACG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1740  
 QY 1741. GCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1800  
 DB 1741. GCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1800  
 QY 1801. TCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1860  
 DB 1801. TCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1860  
 QY 1861. GCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1920  
 DB 1861. GCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1920  
 QY 1921. GCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1980  
 DB 1921. GCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 1980  
 QY 1981. CCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 2040  
 DB 1981. CCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 2040  
 QY 2041. CCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 2100  
 DB 2041. CCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 2100  
 QY 2101. CCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 2160  
 DB 2101. CCG TGT CCG AAT CCG TGT CCG CCA CCG TGT CCA AAT CTT GGA CAC TCG GCG CAC CTA ACG 2160  
 RESULT 6  
 ID 2428880  
 XX AA228880 standard; DNA; 576 BP.  
 XX  
 XX  
 UT 09-SEP-1998 (first entry)  
 XX  
 XX Nucleotide sequence of the search binding domain DS-domain.  
 XX Search binding domain; SB; DS-domain; oral; dental plaque;  
 DM toothpaste; dental cream, mouthwash; 88.  
 XX  
 XX *Bacillus stearothermophilus*.  
 Key Location/Qualifiers  
 CDS 1..576

[illegible]

QY 1822 ATATATTGATGAGGAGAGAGATCGGTGTGTTTATCTGAGAAATGTCCTCCAC 1881  
 Db 241 ATATATTGATGAGGAGAGAGATCGGTGTGTTTATCTGAGAAATGTCCTCCAC 300  
 QY 1882 AACCTGGGAGATAGATTATCTGAGGAGGAGAGAGATGAGATGAGATGAGACG 1941  
 Db 301 AACCTGGGAGATAGATTATCTGAGGAGGAGAGAGATGAGATGAGATGAGACG 360  
 QY 1942 GATATGAGGAGGAGATGATCAATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 2001  
 Db 361 GATATGAGGAGGAGATGATCAATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 420  
 QY 2002 TGGTGTATGATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 2061  
 Db 421 TGGTGTATGATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 480  
 QY 2062 GATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 2121  
 Db 481 GATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 540  
 QY 2122 GTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 2181  
 Db 541 GTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 576  
 RESULT 8  
 ANR60739  
 ID ANR60739 standard; DMM, 2058 BP.  
 AC ANR60739;  
 XT 25-035-1903 (updated)  
 DE 08-K05-1991 (first entry)  
 QY  
 KW Enzyme: cyclodextrin; glycosyl-sucrose; ss.  
 XX Bacillus macerans.  
 XS  
 FT Key  
 FH Location/Qualifiers  
 TT 1..2058  
 CT /\*tag= a  
 FN FR2574081-A.  
 XX 06-JUN-1986.  
 XX 03-DEC-1993; B5RP-0077835.  
 PF 14-CTC-1985; B5RP-0278169.  
 PR 03-DEC-1984; B4UP-0255339.  
 XX (HATP) UNASHIMADA SHIBUETU KAKUKI.  
 XX Sugimoto T, Kubota M, Sakai S.  
 PI WPI, 1986-184710/23.  
 CX P-PSDB: A861516.  
 DR  
 XX New polypeptide(s) - with cyclomalto-dextrin glucan:transferase  
 XX activity, produced by recombinant DNA techniques  
 PF  
 PS Example; Table 4-1, Page 33-36; 54pp; French.  
 CC A polypeptide comprising 680 AA units, corresp. to C75ase produced  
 CC by *Bacillus stearotherophilus*, and a polypeptide comprising 686 AA  
 CC units, corresp. to C75ase produced by *B. macerans* are claimed. Also  
 CC claimed is a polypeptide comprising 680 AA units, corresp. to C75ase  
 CC with a signal sequence (AA60818), N-terminal sequence (AA60819) and  
 CC transit peptide (AA60820).  
 CC (Updated on 25-MAR-2003 to correct PA field.)  
 CC (Updated on 25-MAR-2003 to correct PF field.)

XX Sequence 2058 BP; 517 A; 635 C; 523 G; 383 T; 0 other;  
 QY Query Match 15,118; Score 348.8; Dh 7; Length 2058;  
 XE Best Local Similarity 52,33; Pred. No. 1,4e-91; Indels 72; Gaps 11;  
 MMatches 1078; Conservative 0; Mismatches 93;  
 QY 123 GAGATGATTTACCAATATATATGATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 182  
 Db 42 GATGATGATTTACCAATATATATGATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 98  
 QY 183 GATGATGATTTACCAATATATATGATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 242  
 Db 99 GATGATGATTTACCAATATATATGATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 156  
 QY 243 GAGGATTTGAGAGGGGGTGTCTAAAGAACTTCTTTATTAACAGATTTGAGAGGAGG 302  
 Db 159 GAGGATTTGAGAGGGGGTGTCTAAAGAACTTCTTTATTAACAGATTTGAGAGGAGG 218  
 QY 303 AATTTGATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 363  
 Db 213 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 278  
 QY 364 TAAAGAGGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 424  
 Db 279 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 338  
 QY 425 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 485  
 Db 339 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 398  
 QY 486 TAAAGAGGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 546  
 Db 399 TAAAGAGGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 458  
 QY 550 AGGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 610  
 Db 459 AGGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 515  
 QY 611 AGGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 671  
 Db 516 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 576  
 QY 577 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 637  
 Db 554 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 617  
 QY 618 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 678  
 Db 617 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 677  
 QY 679 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 739  
 Db 678 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 737  
 QY 740 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 800  
 Db 738 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 797  
 QY 801 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 861  
 Db 798 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 851  
 QY 862 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 922  
 Db 852 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 911  
 QY 923 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 983  
 Db 912 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 971  
 QY 1071 GATGATGATTTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 1130





QY 285 AAGCTGCTGGTGAAGCAAGTGGTGTTCCTGGCTTTGGCAATCGGTGAATCT 341  
 DB 594 CGGAGTATGGGATTAACCGCATCTGATATCTCCCAAGCCGTTGAAAGATCTCAT 653  
 QY 342 -----CGGCGGCGATGATGATGAGAGCTGATGAGACTGAGAGCGGATTTAAACA 395  
 DB 616 CAATATATTCGGGCTTACCAAGCAAGGCTGATCTGCGTATCGGCGGAGCTTGAGA 713  
 QY 356 GATTATGCTGGGCTATGAGCAATGAGCAATGATGAGTGGTGGTCAATGATGATGACA 455  
 DB 714 GACATATTCGGGCTATGAGCAATGAGCAATGATGAGTGGTGGTCAATGATGATGACA 773  
 QY 456 AAGAGGATCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 515  
 DB 774 CAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 833  
 QY 516 GATATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 575  
 DB 834 CCGATCT 893  
 QY 576 TTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 635  
 DB 894 CAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 932  
 QY 636 CAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 695  
 DB 932 CAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 992  
 QY 696 GTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 755  
 DB 1052 GATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1082  
 QY 756 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 815  
 DB 1112 TCTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 875  
 QY 816 ATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 875  
 DB 1172 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1172  
 QY 876 AGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 935  
 DB 1226 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1226  
 QY 936 CATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 995  
 DB 1286 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1286  
 QY 1055 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1055  
 DB 1346 CATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1346  
 QY 1115 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1115  
 DB 1496 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1496  
 QY 1175 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1175  
 DB 1466 CAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1466  
 QY 1235 CAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1235  
 DB 1526 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1526  
 QY 1295 CAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1295  
 DB 1586 CAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1586  
 QY 1355 CAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1355  
 DB 1466 CAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1466  
 QY 1415 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1415

DB 1706 GCTATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1706  
 QY 1415 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1415  
 DB 1495 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1495  
 QY 1766 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1766  
 QY 1476 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1535  
 DB 1535 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1535  
 QY 1767 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1826  
 DB 1592 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1592  
 QY 1592 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1592  
 DB 1886 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1886  
 QY 1592 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1592  
 DB 1652 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1652  
 QY 1592 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1592  
 DB 1946 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1946  
 QY 1711 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1711  
 DB 2006 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2006  
 QY 1711 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1711  
 DB 2066 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2066  
 QY 1763 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1763  
 DB 2186 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2186  
 QY 1880 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1880  
 DB 2186 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2186  
 QY 1940 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1940  
 DB 2246 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2246  
 QY 1940 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1940  
 DB 2397 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2397  
 QY 2000 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2000  
 DB 2660 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2660  
 QY 2296 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2296  
 DB 2357 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2357  
 QY 2061 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2061  
 DB 2414 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2414  
 QY 2359 AC - AAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2359  
 DB 2153 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2153  
 QY 2417 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2417  
 DB 2417 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2417

RESULT 10

ID AAG5345 standard; DNA; 2414 BP.

XX AC

XX GC

XX AT

XX CT

XX 02-APR-1994 (first entry)

XX Wild type cyclomaltodextrin glucanotransferase gene.

XX Alpha-0; mutant; alpha-cyclodextrin; CQ7ase;

XX starch; beta-0; ss.

XX

XX Bacillus stearotherophilus.

XX

XX Key Location/Qualifiers

XX 233..2340

XX CDS















```

Db 1777 CTAGGCAAAATATATACATGTTGCAAGTATATGACTGCGACATGGGACATGT 1836
Cy 1945 AGCAGCGACGCCCTTATGATGCGATGCGAGGCCCTGTCGCGCGCATATGCGATG 2004
Bb 1837 AAG-----GCAATGGTCCATGTTCAATCAATGGTTACTTCTTCTTCTTCTTCT 1887
Cy 2005 TTATAGTATTCAGCTTCGACGACGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 2064
Db 1888 TATATGATGTCAGTGTCCCGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 1947
Cy 2065 GCGATGTCAGGATTCATATGAGGATGTTGCGACGCTGCGACGCTGCGACGCTGCGACG 2124
Db 1948 AGCCAGGTATGTCAGTGTGGAAGTGGTCAATCTGTTATACGACACACATGAT 2007
Cy 2125 GCACGCTATCATTTACTGTTACGTGGGAAAC 2157
Db 2008 ACACCGGAAATTTATGATTCGCGAGAC 2040

```

Search completed: September 17, 2003, 08:30:19  
 Job time : 431. sec





```

: NUMBER OF SEQ ID NOS: 31
: SOFTWARE: PatentIn version 3.1
: SEQ ID NO 1:
: LENGTH: 2460
: TYPE: DNA
: ORGANISM: Bacillus sp.
: FEATURE:
: NAME/KEY: CDS
: LOCATION: (1)..(2157)
: OTHER INFORMATION:
: FEATURE:
: NAME/KEY: mat_peptide
: LOCATION: (107)..(1)
: OTHER INFORMATION:
US-09-645-707B-1

```

| Query Match           | 100.0%       | Score   | 2160       | DB 4 | Length | 2160 |
|-----------------------|--------------|---|------------|------|--------|------|
| Best Local Similarity | 100.0%       | Score   | 2160       |      |        |      |
| Matches 2160          | Conservative | 0   | Mismatches | 0    | Indels | 0    |
| Gaps                  | 0            |   |            |      |        |      |
| Qy                    | 1            | ATGAAAGAAAAGCTCTCTTATATGAGCGATGCTCATCTGAGCTCTGCTGTC   | 60         |      |        |      |
| Ds                    | 1            | ATGAAAGAAAAGCTCTCTTATATGAGCGATGCTCATCTGAGCTCTGCTGTC   | 60         |      |        |      |
| Qy                    | 61           | AGCGTCTCTCGTCAATCAACCAAGCCGCAAGCCAGATGTCAGAGGTGCAAA   | 120        |      |        |      |
| Ds                    | 61           | AGCGTCTCTCGTCAATCAACCAAGCCGCAAGCCAGATGTCAGAGGTGCAAA   | 120        |      |        |      |
| Qy                    | 121          | GGGAGATGTTACACGATATCATGAGCGCTTTACATGAGGAGCAAGACAC     | 180        |      |        |      |
| Ds                    | 121          | GGGAGATGTTACACGATATCATGAGCGCTTTACATGAGGAGCAAGACAC     | 180        |      |        |      |
| Qy                    | 181          | ATATCTGCAAAAGCTATGAGCTATGATCGACCAATGAAAGTGAAGATATGG   | 240        |      |        |      |
| Ds                    | 181          | ATATCTGCAAAAGCTATGAGCTATGATCGACCAATGAAAGTGAAGATATGG   | 240        |      |        |      |
| Qy                    | 241          | AGCGAGATCTGGAGGGGCTGCGAAAATCTCTCTTAAACGCTGGCGTAAGC    | 300        |      |        |      |
| Ds                    | 241          | AGCGAGATCTGGAGGGGCTGCGAAAATCTCTCTTAAACGCTGGCGTAAGC    | 300        |      |        |      |
| Qy                    | 301          | ACATATGCTCTTCCTGGCTGCTGCAATCTGAGTCACTGCGGCGCAACACAC   | 360        |      |        |      |
| Ds                    | 301          | ACATATGCTCTTCCTGGCTGCTGCAATCTGAGTCACTGCGGCGCAACACAC   | 360        |      |        |      |
| Qy                    | 361          | GCTATCAGACATGCTACGATCGATTTTAAACAGATGAGCAATCTGAGATTTG  | 420        |      |        |      |
| Ds                    | 361          | GCTATCAGACATGCTACGATCGATTTTAAACAGATGAGCAATCTGAGATTTG  | 420        |      |        |      |
| Qy                    | 421          | ACGAATCTGATGAGCTGATGAGCTGATGATCTGCAACAAAGCATATGATGTGC | 480        |      |        |      |
| Ds                    | 421          | ACGAATCTGATGAGCTGATGAGCTGATGATCTGCAACAAAGCATATGATGTGC | 480        |      |        |      |
| Qy                    | 481          | TTTGTGCGACATCTATGATCTCTTTTAAAGCAAGATATTCATCTGCGAAGCGC | 540        |      |        |      |
| Ds                    | 481          | TTTGTGCGACATCTATGATCTCTTTTAAAGCAAGATATTCATCTGCGAAGCGC | 540        |      |        |      |
| Qy                    | 541          | GGCTCTCAATGATGAGCTCTATGAGCGATGATGATGATGATGATGATGATG   | 600        |      |        |      |
| Ds                    | 541          | GGCTCTCAATGATGAGCTCTATGAGCGATGATGATGATGATGATGATGATG   | 600        |      |        |      |
| Qy                    | 541          | GGCTCTCAATGATGAGCTCTATGAGCGATGATGATGATGATGATGATGATG   | 600        |      |        |      |
| Ds                    | 541          | GGCTCTCAATGATGAGCTCTATGAGCGATGATGATGATGATGATGATGATG   | 600        |      |        |      |
| Qy                    | 601          | TTTCACATATGAGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG   | 660        |      |        |      |
| Ds                    | 601          | TTTCACATATGAGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG   | 660        |      |        |      |
| Qy                    | 661          | TTTCACATATGAGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG   | 720        |      |        |      |
| Ds                    | 661          | TTTCACATATGAGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG   | 720        |      |        |      |
| Qy                    | 721          | CATATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG    | 780        |      |        |      |
| Ds                    | 721          | CATATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG    | 780        |      |        |      |
| Qy                    | 781          | GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG     | 840        |      |        |      |
| Ds                    | 781          | GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG     | 840        |      |        |      |

```

Db 1861 GTGAAGAGTGGCTCGACACCTACCTGGGTGATGATTACCTGAGGCGACATACG 1240
Qy 1921 GAATGGGATATGGGACGATGACGATGACGAGCGAGCGGCTGATACATATGCGAGGCTG 1880
Db 1921 GAATGTCGAGGATGAGGATGAGGATGAGGATGAGGATGAGGATGAGGATGAGGATG 1980
Qy 1981 CTTCGCGGCAATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2040
Db 1981 CTTCGCGGCAATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2040
Qy 2041 GAATGCAATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGAT 2100
Db 2041 GAATGCAATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGAT 2100
Qy 2101 CAATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2160
Db 2101 CAATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2160

RESULT 3
US-09-276-071-3
Sequence 1, Application US/01276/071
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Pectenus, Claus Crons
APPLICANT: Tachyura, Rie
TITLE OF INVENTION: Starch Binding Domains (SBDs) For Oral Care Products
FILE REFERENCE: 5017, 204-US
CURRENT FILING DATE: 1999-03-25
NUMBER OF SEQ ID NOS: 7
SOFTWARE: FASTSEQ For Windows Version 3.0
SEQ ID NO 1
SEQ ID NO 2
SEQ ID NO 3
SEQ ID NO 4
SEQ ID NO 5
SEQ ID NO 6
SEQ ID NO 7
LENGTH: 576
TYPE: DNA
ORGANISM: Streptococcus
US-09-276-071-3

Query Match 26.78, Score 576, DB 3, Length 576;
Best Local Similarity 100.0%, Pred. No. 1e-96;
Matches 576; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy 1587 TCCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1641
Db 1 TCCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1641
Qy 1641 GTGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 1701
Db 1 GTGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 1701
Qy 1702 ACGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 1761
Db 1 ACGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 1761
Qy 1762 GCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 1821
Db 1 GCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 1821
Qy 1821 GCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 1881
Db 1 GCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 1881
Qy 1882 AACTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGAT 1941
Db 1 AACTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 1941
Qy 1941 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2001
Db 1 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2001
Qy 2001 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2061
Db 1 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2061
Qy 2062 TGGTATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2121
Db 2121 TGGTATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2121

```

```

Qy 2162 GTTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGAT 2221
Db 481 GTTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGAT 540
Qy 2122 GTTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGAT 2182
Db 541 GTTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGAT 596

RESULT 4
US-09-276-071-1
Sequence 1, Application US/09276/071
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Pectenus, Claus Crons
APPLICANT: Tachyura, Rie
TITLE OF INVENTION: Starch Binding Domains (SBDs) For Oral Care Products
FILE REFERENCE: 5017, 204-US
CURRENT FILING DATE: 1999-03-25
NUMBER OF SEQ ID NOS: 7
SOFTWARE: FASTSEQ For Windows Version 3.0
SEQ ID NO 1
SEQ ID NO 2
SEQ ID NO 3
SEQ ID NO 4
SEQ ID NO 5
SEQ ID NO 6
SEQ ID NO 7
LENGTH: 327
TYPE: DNA
ORGANISM: Streptococcus
US-09-276-071-1

Query Match 15.18, Score 327, DB 3, Length 327;
Best Local Similarity 100.0%, Pred. No. 1e-96;
Matches 327; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy 1831 AATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGAT 1890
Db 1 AATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 1890
Qy 1891 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 1950
Db 61 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 120
Qy 1951 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2010
Db 121 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 180
Qy 2011 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2070
Db 181 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 240
Qy 2071 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2130
Db 241 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 300
Qy 2131 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2157
Db 301 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 327

RESULT 5
US-09-947-965-1
Sequence 1, Application US/09479/965
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Pectenus, Claus Crons
APPLICANT: Tachyura, Rie
TITLE OF INVENTION: Starch Binding Domains (SBDs) For Oral Care Products
FILE REFERENCE: 5017, 204-US
CURRENT FILING DATE: 1999-03-25
NUMBER OF SEQ ID NOS: 7
SOFTWARE: FASTSEQ For Windows Version 3.0
SEQ ID NO 1
SEQ ID NO 2
SEQ ID NO 3
SEQ ID NO 4
SEQ ID NO 5
SEQ ID NO 6
SEQ ID NO 7
LENGTH: 327
TYPE: DNA
ORGANISM: Streptococcus
US-09-947-965-1

Query Match 15.18, Score 327, DB 3, Length 327;
Best Local Similarity 100.0%, Pred. No. 1e-96;
Matches 327; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy 1831 AATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGAT 1890
Db 1 AATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 1890
Qy 1891 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 1950
Db 61 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 120
Qy 1951 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2010
Db 121 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 180
Qy 2011 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2070
Db 181 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 240
Qy 2071 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2130
Db 241 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 300
Qy 2131 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 2157
Db 301 GATGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCGCGATGTCG 327

```











NUMBER OF SOURCES: 17  
 COMMENTS: ADDRESS: RICH STEWART, KOLASCH & HIRSH  
 STREET: 8110 Gatehouse Road, Suite 500 East  
 CITY: Falls Church  
 STATE: VA  
 COUNTRY: U.S.A.  
 ZIP: 22042  
 COMPUTER READABLE FORM:  
 COMMENTS: IEB PC compatible  
 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
 COMMENTS: IEB PC compatible  
 CURRENT APPLICATION DATA: Release #1.0, Version #1.25  
 APPLICATION NUMBER: US/08/467,831  
 FILING DATE: 06-JUN-1995  
 PRELIM APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: US/08/204,656  
 FILING DATE: 06-JUN-1994  
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 NAME: WEINER, MARC S.  
 REGISTRATION NUMBER: 32,191  
 TELEPHONE: (703) 205-8000  
 TELEFAX: (703) 205-8050  
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 5:  
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 LENGTH: 2061 base pairs  
 UNIT: bp  
 STRANDEDNESS: double  
 TOPOLOGY: linear  
 NOTES: DNA (synthetic)  
 HYPOTHETICAL: NO  
 ANTI-SENSE: NO  
 US-08-467-831-5

Query Match 13.76; Score 296; Db 1; Length 2661;  
 Best Local Similarity 51.5%; Pred. No. 4.7e-86;  
 Matches 1067; Conservative 0; Mismatches 950; Indels 73; Gaps 14;  
 QY 116 TCAAGGGGAGTATTACAGATATGATGAGGTTTACAGTGGAGAGCA 175  
 Db 35 TCGAGAGATGATCATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 94  
 QY 176 ACAACATCTGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 235  
 Db 95 A---GATCGGGGGGAGCGGCTGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCTTCG 151  
 QY 216 ATGCGGGGAGGATGAGAGGATGAGAGGATGAGAGGATGAGAGGAT 295  
 Db 152 GCGAGATCTGAGAGGATGAGAGGATGAGAGGATGAGAGGATGAGAG 311  
 QY 296 TACAGATCTGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 346  
 Db 212 TCG 271  
 QY 347 GCG 406  
 Db 272 GCG 331  
 QY 407 ATTGAGAGATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 466  
 Db 332 CTCTGAGATTTTCGATTTTCGATTTTCGATTTTCGATTTTCGATTT 390  
 QY 467 AGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 524  
 Db 391 AGGT GCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 449  
 QY 525 CTTCGCGAGAGGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 564

Db 450 CTTCGCGAGAGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 509  
 QY 585 CGAGCAAAAGAGTACTTCGACGCAATAGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 644  
 Db 510 TAGGGCG---GGCTGCTCATCATCAAGCGGAGCGATTTT----- 550  
 Db 645 GCGCGATGAGAAATCTCGAGTCGAGTCAGCGCGGTTTCTGCTCGATTT 704  
 Db 551 --CCAGATGAGAGCGGTTATTACAGAGCTCTACGAGCTGGGAGATCA 608  
 QY 705 AATGAGCAGATCTCATCTAGTACGACATGCGCGGTCATGTGAGTACG 764  
 Db 765 CMAAGCTTAGAGAGCTTATTAAAGCGATATGAGCTTGGCTGCGATGT 823  
 QY 824 --CCGAAAGTACCAAGAGAGAGCATTTCTGAGGAGAGTGTAGAGTA 881  
 Db 729 TCTCGATACGCGCGCATCTCGGTATTCTAGCTGTGGAGATGATCT 788  
 QY 882 CCAGGAGCAGATCATCTGGAAGAGTCCGATCGACACAGAGGATCAT 941  
 Db 789 GATTCAGCG-----AGGAGACATTAATTCGCGACAGCGCGCGCG 842  
 QY 942 GTAGATTTGTCGATGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1001  
 Db 843 GTGATTTGATATGCGCGAGAGTTCGCGAGATGTCGAGTCAAGAGAG 902  
 QY 1002 GTAGCTTTACGATATGAGTGAACAAAGGAGAGAGTCTTCTGTAATG 1061  
 Db 903 GAGAGTCTTGGAGTCTGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1121  
 QY 1062 ATTCATCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1121  
 Db 963 GTGATCTTCTGACGATGATGAGAGTCTGAGTTCGCGTTCGCTGAG 1022  
 QY 1122 GATTTGAGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1181  
 Db 1023 GCGCGACGAGAGTGTGCGGCTAGCTGATCTTCGCGCGTTCGCGCGCG 1082  
 QY 1182 TGGACGACGACGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1241  
 Db 1083 CG 1142  
 QY 1242 GTTTCGACGACGACGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1301  
 Db 1143 GTTTCGACGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1202  
 QY 1302 GATTCG 1361  
 Db 1203 CATCTCG 1262  
 QY 1362 TATAGAGAGATTTTCAAGGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1421  
 Db 1263 TATAGAGAGATTTTCAAGGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1382  
 QY 1422 CTCTCATGATTTGCGGTTCGAGCGCGCTTCGAATGAGTGTGATGATCT 1481  
 Db 1323 CATTTACGATTTGCGGTTCGAGCGCGCTTCGAATGAGTGTGATGAT 1382  
 QY 1482 GTCAAGGCTTGTGAGGAGAGAGGATTTGCGGTTCGATGATGATGAT 1538  
 Db 1383 GAGAGCTTTTAAAGAGAGGCTCTCTATTCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1448  
 QY 1539 CACTCTGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1502  
 Db 1443 TACTCTGCG 1502  
 QY 1599 ATGCGAGT 1658  
 Db 1503 GATTCG 1562









RESULT 13  
 US-09-384-361-33  
 ; Application US/09184361  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: DAVID  
 ; TITLE OF INVENTION: GLUCOGEN BIOSYNTHETIC ENZYMES IN PLANTS  
 ; NUMBER OF SEQUENCES: 35  
 ; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
 ; ADDRESS: 1920 FIFTH STREET  
 ; CITY: Davis  
 ; STATE: CA  
 ; COUNTRY: USA  
 ; ZIP: 95616  
 ; COMPUTER READABLE FORM:  
 ; FILE NAME: PFF-1M.FPY disk  
 ; OPERATING SYSTEM: Windows NT 4.0, MS Word for Windows 7.0a  
 ; CURRENT RELEASE: Patent Release #1.0, Version #1.35  
 ; APPLICATION NUMBER: US/09/384,361  
 ; FILING DATE: 26-August 1999  
 ; PRIORITY INFORMATION:  
 ; PRIOR APPLICATION DATA:  
 ; APPLICATION NUMBER: 08/484,434  
 ; FILING DATE: 07-JUN-1995  
 ; PRIORITY INFORMATION:  
 ; APPLICATION NUMBER: 08/016,881  
 ; FILING DATE: 1-FEB-1993  
 ; CLASSIFICATION: 820  
 ; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 ; NAME: Schwedler, Carl J.  
 ; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 15593/03/US  
 ; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 ; NAME: Schwedler, Carl J.  
 ; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 15593/03/US  
 ; RESISTANCE NUMBER: 37,126  
 ; TELEPHONE: 530-792-2465  
 ; TELEFAX: 530-792-2465  
 ; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 31:  
 ; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 ; TYPE: nucleic acid  
 ; STRANDNESS: double  
 ; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
 ; HYPOTHEetical: NO  
 ; Query Match 3.4%; Score 74; DB 4; Length 1988;  
 ; Best Local Similarity 55.3%; Pred. No. 1.7e-13;  
 ; Matches 168; Conservative 0; Mismatches 130; Indels 6; Gaps 1;  
 QY 223 AAGTGGAAATATGTCGGGAGTCTGGAGGGGTCTCAAAATCTCTATCT 282  
 DB 231 AATTAAAAATATCTGGAGGATCTCCGGGGTCTATATATCTCTATTA 290  
 QY 283 AAACAGCTGGGGTAAGACATCTGGTGTCCCGGTTTGGACATCTGATACG 342  
 DB 281 AATCTATGGTGTATCAATCTGGATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 350  
 QY 343 GGCGACACCAACACCGCATCTACGATCTACGATCTACGATCTACGATCT 402  
 DB 341 GGCGACACCAACACCGCATCTACGATCTACGATCTACGATCTACGATCT 410  
 QY 403 GACATTTTGGAG-----ATTGACACATTTGACATCTGTCGATGATCTCA 456  
 DB 411 GACATTTTGGAG-----ATTGACACATTTGACATCTGTCGATGATCTCA 470  
 QY 457 AACGAGCTGAAGTGTCTGCTTGTGCTTGTGCTTGTGCTTGTGCTTGTG 516  
 DB 471 TGAATATGACTGCTTGTGCTTGTGCTTGTGCTTGTGCTTGTGCTTGTG 530  
 QY 517 GAT 520  
 DB 531 GAT 534  
 RESULT 14  
 US-08-469-202-25  
 ; Sequence 25, Application US/08469202  
 ; Patent No. 5098555  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: STALKER, DAVID  
 ; TITLE OF INVENTION: GLUCOGEN BIOSYNTHETIC ENZYMES IN PLANTS  
 ; NUMBER OF SEQUENCES: 28  
 ; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
 ; ADDRESS: CALGENE, INC.  
 ; STREET: 1920 FIFTH STREET  
 ; CITY: DAVIS  
 ; STATE: CA  
 ; COUNTRY: USA  
 ; ZIP: 95616  
 ; COMPUTER READABLE FORM:  
 ; MEDIUM TYPE: Diskette, 3.50 inch, 2.0 MB  
 ; COMPUTER: Apple Macintosh  
 ; SOFTWARE: Sequencer 1.1  
 ; SOFTWARE: Microsoft Word 5.1 (a)  
 ; CURRENT APPLICATION DATA:  
 ; APPLICATION NUMBER: US/08/469,202  
 ; FILING DATE: 11-FEB-1993  
 ; CLASSIFICATION: 820  
 ; PRIOR APPLICATION DATA: 08/016,881  
 ; FILING DATE: 11-FEB-1993  
 ; CLASSIFICATION: 820  
 ; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 ; NAME/AGENT INFORMATION:  
 ; REGISTRATION NUMBER: 31,845  
 ; NAME: Donna E. Scherer  
 ; REGISTRATION NUMBER: 34,719  
 ; REGISTRATION NUMBER: 36,324  
 ; REGISTRATION NUMBER: 36,324  
 ; REFERENCE/DOCKET NUMBER: CORN 93-2  
 ; TELEPHONE: 916-753-6513  
 ; TELEFAX: 916-753-1510  
 ; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 25:  
 ; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 ; TYPE: nucleic acid  
 ; STRANDNESS: double  
 ; LENGTH: 2000 base pairs  
 ; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
 ; HYPOTHEtical: NO  
 ; Query Match 3.4%; Score 74; DB 1; Length 2000;  
 ; Best Local Similarity 55.3%; Pred. No. 1.8e-13;  
 ; Matches 168; Conservative 0; Mismatches 110; Indels 6; Gaps 1;  
 QY 223 AAGTGGAAATATGTCGGGAGTCTGGAGGGGTCTCAAAATCTCTATCT 282  
 DB 231 AATTAAAAATATCTGGAGGATCTCCGGGGTCTATATATCTCTATTA 296  
 QY 283 AAACAGCTGGGGTAAGACATCTGGTGTCCCGGTTTGGACATCTGATACG 342  
 DB 281 AATCTATGGTGTATCAATCTGGATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 356  
 QY 343 GGCGACACCAACACCGCATCTACGATCTACGATCTACGATCTACGATCT 402

[illegible]

Search completed: September 17, 2003, 10:52:28  
Job time : 125 secs

1  
 2  
 3  
 4  
 5  
 6  
 7  
 8  
 9  
 10  
 11  
 12  
 13  
 14  
 15  
 16  
 17  
 18  
 19  
 20  
 21  
 22  
 23  
 24  
 25  
 26  
 27  
 28  
 29  
 30  
 31  
 32  
 33  
 34  
 35  
 36  
 37  
 38  
 39  
 40  
 41  
 42  
 43  
 44  
 45  
 46  
 47  
 48  
 49  
 50  
 51  
 52  
 53  
 54  
 55  
 56  
 57  
 58  
 59  
 60  
 61  
 62  
 63  
 64  
 65  
 66  
 67  
 68  
 69  
 70  
 71  
 72  
 73  
 74  
 75  
 76  
 77  
 78  
 79  
 80  
 81  
 82  
 83  
 84  
 85  
 86  
 87  
 88  
 89  
 90  
 91  
 92  
 93  
 94  
 95  
 96  
 97  
 98  
 99  
 100  
 101  
 102  
 103  
 104  
 105  
 106  
 107  
 108  
 109  
 110  
 111  
 112  
 113  
 114  
 115  
 116  
 117  
 118  
 119  
 120  
 121  
 122  
 123  
 124  
 125  
 126  
 127  
 128  
 129  
 130  
 131  
 132  
 133  
 134  
 135  
 136  
 137  
 138  
 139  
 140  
 141  
 142  
 143  
 144  
 145  
 146  
 147  
 148  
 149  
 150  
 151  
 152  
 153  
 154  
 155  
 156  
 157  
 158  
 159  
 160  
 161  
 162  
 163  
 164  
 165  
 166  
 167  
 168  
 169  
 170  
 171  
 172  
 173  
 174  
 175  
 176  
 177  
 178  
 179  
 180  
 181  
 182  
 183  
 184  
 185  
 186  
 187  
 188  
 189  
 190  
 191  
 192  
 193  
 194  
 195  
 196  
 197  
 198  
 199  
 200  
 201  
 202  
 203  
 204  
 205  
 206  
 207  
 208  
 209  
 210  
 211  
 212  
 213  
 214  
 215  
 216  
 217  
 218  
 219  
 220  
 221  
 222  
 223  
 224  
 225  
 226  
 227  
 228  
 229  
 230  
 231  
 232  
 233  
 234  
 235  
 236  
 237  
 238  
 239  
 240  
 241  
 242  
 243  
 244  
 245  
 246  
 247  
 248  
 249  
 250  
 251  
 252  
 253  
 254  
 255  
 256  
 257  
 258  
 259  
 260  
 261  
 262  
 263  
 264  
 265  
 266  
 267  
 268  
 269  
 270  
 271  
 272  
 273  
 274  
 275  
 276  
 277  
 278  
 279  
 280  
 281  
 282  
 283  
 284  
 285  
 286  
 287  
 288  
 289  
 290  
 291  
 292  
 293  
 294  
 295  
 296  
 297  
 298  
 299  
 300  
 301  
 302  
 303  
 304  
 305  
 306  
 307  
 308  
 309  
 310  
 311  
 312  
 313  
 314  
 315  
 316  
 317  
 318  
 319  
 320  
 321  
 322  
 323  
 324  
 325  
 326  
 327  
 328  
 329  
 330  
 331  
 332  
 333  
 334  
 335  
 336  
 337  
 338  
 339  
 340  
 341  
 342  
 343  
 344  
 345  
 346  
 347  
 348  
 349  
 350  
 351  
 352  
 353  
 354  
 355  
 356  
 357  
 358  
 359  
 360  
 361  
 362  
 363  
 364  
 365  
 366  
 367  
 368  
 369  
 370  
 371  
 372  
 373  
 374  
 375  
 376  
 377  
 378  
 379  
 380  
 381  
 382  
 383  
 384  
 385  
 386  
 387  
 388  
 389  
 390  
 391  
 392  
 393  
 394  
 395  
 396  
 397  
 398  
 399  
 400  
 401  
 402  
 403  
 404  
 405  
 406  
 407  
 408  
 409  
 410  
 411  
 412  
 413  
 414  
 415  
 416  
 417  
 418  
 419  
 420  
 421  
 422  
 423  
 424  
 425  
 426  
 427  
 428  
 429  
 430  
 431  
 432  
 433  
 434  
 435  
 436  
 437  
 438  
 439  
 440  
 441  
 442  
 443  
 444  
 445  
 446  
 447  
 448  
 449  
 450  
 451  
 452  
 453  
 454  
 455  
 456  
 457  
 458  
 459  
 460  
 461  
 462  
 463  
 464  
 465  
 466  
 467  
 468  
 469  
 470  
 471  
 472  
 473  
 474  
 475  
 476  
 477  
 478  
 479  
 480  
 481  
 482  
 483  
 484  
 485  
 486  
 487  
 488  
 489  
 490  
 491  
 492  
 493  
 494  
 495  
 496  
 497  
 498  
 499  
 500  
 501  
 502  
 503  
 504  
 505  
 506  
 507  
 508  
 509  
 510  
 511  
 512  
 513  
 514  
 515  
 516  
 517  
 518  
 519  
 520  
 521  
 522  
 523  
 524  
 525

[illegible]







```

/ Publication No. US20030170656A1
/ GENERAL INFORMATION:
/ APPLICANT: Jorgensen, Per Lin
/ INVENTOR: Jorgensen, Per Lin
/ ATTORNEY: Jorgensen, Per Lin
/ CLASS OF INVENTION: 3537.226, and DNA sequence encoding same
/ FIELD OF INVENTION: 3537.226, and DNA sequence encoding same
/ CURRENT FILING DATE: 2003-01-14
/ PRIORITY DATE: 2003-01-14
/ SOFTWARE: Patent in version 3.1
/ SEQ ID NO 1
/ LENGTH: 261
/ ORGANISM: Bacillus agardhaerinus
/ FEATURE:
/ LOCATION: 1133
/ OTHER INFORMATION:
/ FEATURE: CDS
/ LOCATION: 11... (2139)
/ OTHER INFORMATION:
/ Query Match 10.9%; Score 234.6; DB 12; Length 261;
/ Best Local Similarity 48.5%; Pred. No. 9.4e+66;
/ Matches 931; Conservative 0; Mismatches 98; Indels 63; Gaps 10;
/
/ 124 GAGTGGATACCAAGATATATACAGCGTTTTCATGCGATGACAGACAGCAAGAT 283
/
/ 145 GAGTGGATATCAAGTATACAGCGTTTTCATGCGATGACAGACAGCAAGAT 204
/
/ 184 CTGCGCAAAATATGAGATTTACATCCGCAATATGAGTGGATGATATGATGGGC 343
/
/ 205 TCGAGAGATTTTTCATGCGATGACAGCGTTTTCATGCGATGACAGCGAT 261
/
/ 244 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 303
/
/ 262 TCGAGAGATTTTTCATGCGATGACAGCGTTTTCATGCGATGACAGCGAT 321
/
/ 304 ATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 357
/
/ 358 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 417
/
/ 382 ATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 441
/
/ 418 TCGAGAGATTTTTCATGCGATGACAGCGTTTTCATGCGATGACAGCGAT 477
/
/ 442 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 501
/
/ 478 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 537
/
/ 502 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 561
/
/ 538 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 597
/
/ 562 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 621
/
/ 598 TACTTCTGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 657
/
/ 622 TACTTCTGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 672
/
/ 658 TACTTCTGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 717
/
/ 673 TACTTCTGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 723
/
/ 718 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 777
/
/ 724 -----TACTTCTGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGAT 777
/
/ 778 ATGAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 837
/
/ 779 ATGAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 837
/
/ 838 CAAAGAGAGAGATTTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 897
/
/ 839 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 897
/
/ 898 CTTGAGAGAGAGATTTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 957
/
/ 899 TACTTCTGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 946
/
/ 958 TACTTCTGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1017
/
/ 959 TACTTCTGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1017
/
/ 999 TACTTCTGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1017
/
/ 1018 ATGAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1077
/
/ 1009 ATGAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1068
/
/ 1078 ATGAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1137
/
/ 1079 ATGAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1137
/
/ 1089 ATGAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1138
/
/ 1138 CTGAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1137
/
/ 1139 TACTTCTGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1188
/
/ 1198 ATGAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1257
/
/ 1199 ATGAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1248
/
/ 1258 ATGAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1317
/
/ 1249 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1368
/
/ 1318 TACTTCTGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1377
/
/ 1309 ATGAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1368
/
/ 1378 TACTTCTGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1437
/
/ 1369 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1437
/
/ 1438 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1497
/
/ 1429 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1488
/
/ 1498 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1548
/
/ 1499 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1548
/
/ 1555 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1611
/
/ 1549 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1608
/
/ 1612 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1671
/
/ 1609 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1668
/
/ 1572 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1731
/
/ 1669 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1728
/
/ 1732 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1788
/
/ 1729 ATGAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1788
/
/ 1789 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1848
/
/ 1789 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1848
/
/ 1849 GAGTGGATGAGGAGTTCATGAGATTTTCATGCGATGACAGCGATGACAGCGAT 1908

```

Db 1849 GCTGTTTTCATACATAGATG---CAGAAACAGCTGGTGAAGAAGTTTCTGTGTA 1905  
 Qy 1909 GCGACATCGATGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATG 1969  
 Db 1906 GGTATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1965  
 Qy 1969 CAGAGCGCCCTGCGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATG 2028  
 Db 1966 CAA-----ATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2016  
 Qy 2029 GGAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2088  
 Db 2017 AATACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2076  
 Qy 2089 AATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2148  
 Db 2087 AATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2136  
 Qy 2149 ATGGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2131  
 Db 2137 TGG 2139

# SEQUENCE 3

1 Sequence 1, Application US/1018866  
 2 Publication No. US20030114417A1  
 3 APPLICANT: TAKADA, MASAYASU  
 4 APPLICANT: IDE, TAKAHIRO  
 5 APPLICANT: YAMAGATA, YOSHIOKI  
 6 APPLICANT: YAMAGUCHI, YOSHIOKI  
 7 APPLICANT: YAMAGUCHI, YOSHIOKI  
 8 APPLICANT: YAMAGUCHI, YOSHIOKI  
 9 TITLE OF INVENTION: GENE CODING FOR CYCLODEXTRIN GLUCONOTRANSFERASE CHIEFLY  
 10 IN THE CYCLODEXTRIN GLUCONOTRANSFERASE CHIEFLY  
 11 FILE REFERENCE: 12657/0601780  
 12 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/188,066  
 13 CURRENT FILING DATE: 2002-10-09  
 14 PRIORITY DATE: 2001-07-11  
 15 PRIOR FILING DATE: 2001-07-11  
 16 NUMBER OF SEQ ID NOS: 10  
 17 SEQ ID NO 1530  
 18 TYPE: DNA  
 19 ORGANISM: Bacillus clausii  
 20 TAXONOMY: Bacillus clausii  
 21 OTHER INFORMATION: 7364  
 22 FEATURE:  
 23 NAME/KEY: CDS  
 24 LOCATION: 1261..(2426)  
 25 US-10-188-066-1

Query Match 18.8%; Score 319.2; DB 14; Length 2539;  
 Best Local Similarity 48.2%; Pct. 2.7e-5;  
 Matches 98; Conservative 0; Nucleotides 98; Indels 72; Gaps 9;

Qy 121 GCGACATCGATGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATG 180  
 Db 441 GCGACATCGATGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATG 500  
 Qy 181 AATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 240  
 Db 501 AATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 560  
 Qy 241 GCGACATCGATGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATG 300  
 Db 561 GCGACATCGATGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATGCGATG 620  
 Qy 301 AATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 360  
 Db 621 GCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 680

Qy 361 GCTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 420  
 Db 681 TCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 740  
 Qy 421 ACCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 480  
 Db 741 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 800  
 Qy 481 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 540  
 Db 801 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 860  
 Qy 541 GCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 600  
 Db 861 GCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 920  
 Qy 601 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 660  
 Db 921 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 980  
 Qy 661 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 720  
 Db 981 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1040  
 Qy 721 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 780  
 Db 1041 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1100  
 Qy 781 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 840  
 Db 1101 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1160  
 Qy 841 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 900  
 Db 1161 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1220  
 Qy 901 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 960  
 Db 1221 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1280  
 Qy 961 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1020  
 Db 1281 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1340  
 Qy 1021 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1080  
 Db 1341 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1400  
 Qy 1081 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1140  
 Db 1401 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1460  
 Qy 1141 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1200  
 Db 1461 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1520  
 Qy 1201 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1260  
 Db 1521 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1580  
 Qy 1261 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1320  
 Db 1581 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1640  
 Qy 1321 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1380  
 Db 1641 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1700  
 Qy 1381 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1440  
 Db 1701 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1760  
 Qy 1441 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1500



Query Match: 2.5%; Score 54; DB 14; Length 905508;

Best Local Similarity: 53.0%; Pred. No. 6.5e-06; Mismatches 120; Indels 6; Gaps 1;

Matches 142; Conservative 0; Mismatches 120; Indels 6; Gaps 1;

Qy 233 TGTATCTGGCGGGGAGCTTGGAGGGGGTCTGCAAAATCTCTTATTTAAAGATTG 292

Db 311 TCTACAGGGGGGAGCTTGGAGGGGGTCTGCAAAATCTCTTATTTAAAGATTG 370

Qy 293 GGTATACAGATCTGTTGTTCTGCGGTTTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 352

Db 371 GATACATCTGTTGTTCTGCGGTTTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 430

Qy 353 ATACG-----ACGGTATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 406

Db 431 AGATATCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 490

Qy 407 ATATGACATCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 466

Db 491 ATTCTGATCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 550

Qy 467 AGGTATCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 494

Db 551 AGGTCTCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 578

RESULT 6

US-10-156-761-1

Sequence 41: Application US/1614761

Publication No. US20030190184

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: ONODA, SATOSHI

APPLICANT: ISHIKAWA, JUN

APPLICANT: HORIKAWA, HIROSHI

APPLICANT: SAKAKI, YOSHIOKI

APPLICANT: HATTORI, MASAHISA

TITLE OF INVENTION: NOVEL POLYNUCLEOTIDES

CURRENT FILING DATE: US/16/156,761

PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2001-284069

PRIOR FILING DATE: 2002-05-29

PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2001-272697

PRIOR FILING DATE: 2001-08-02

SEQ ID NO: 15159

LENGTH: 902508

TYPE: DNA

FEATURE:

NAME/KEY: misc\_feature

OTHER INFORMATION: a, t, c, g, other or unknown

US-10-156-761-1

Query Match

Best Local Similarity: 53.0%; Pred. No. 0.001;

Matches 142; Conservative 0; Mismatches 120; Indels 6; Gaps 1;

Qy 233 TGTATCTGGCGGGGAGCTTGGAGGGGGTCTGCAAAATCTCTTATTTAAAGATTG 292

Db 7202597 TCTACAGGGGGGAGCTTGGAGGGGGTCTGCAAAATCTCTTATTTAAAGATTG 7202556

Qy 293 GGTATACAGATCTGTTGTTCTGCGGTTTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 352

Db 7202557 GATACATCTGTTGTTCTGCGGTTTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 7202716

Qy 353 ATACG-----ACGGTATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 406

Db 7202717 AGGTCTCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 7202776

Qy 407 ATTCTGATCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 466

Db 7202777 ATTCTGATCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 7202836

Qy 467 AGGTATCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 494

Db 7202837 AGGTCTCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 7202864

RESULT 7

US-10-156-761-1

Sequence 41: Application US/1614761

Publication No. US20030084594

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: ONODA, SATOSHI

APPLICANT: ISHIKAWA, JUN

APPLICANT: HORIKAWA, HIROSHI

APPLICANT: SAKAKI, YOSHIOKI

APPLICANT: HATTORI, MASAHISA

TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACIDS OF ASPERGILLUS FUIGATUS ENCODING INDUSTRIAL

FILE REFERENCE: 10182-015-999

CURRENT FILING DATE: 2002-08-05

NUMBER OF SEQ ID NOS: 72

SEQ ID NO: 15159

LENGTH: 1488

TYPE: DNA

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (1)....(1488)

US-10-156-761-1

Query Match

Best Local Similarity: 46.9%; Pred. No. 0.012;

Matches 162; Conservative 0; Mismatches 265; Indels 3; Gaps 1;

Qy 234 GTATCTGGCGGGGAGCTTGGAGGGGGTCTGCAAAATCTCTTATTTAAAGATTG 293

Db 155 GATCTGGGGGAGCTTGGAGGGGGTCTGCAAAATCTCTTATTTAAAGATTG 224

Qy 294 CTTATACAGATCTGTTGTTCTGCGGTTTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 352

Db 225 CTTATACAGATCTGTTGTTCTGCGGTTTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 281

Qy 354 TATACAGATCTGTTGTTCTGCGGTTTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 413

Db 285 AGGTATCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 341

Qy 431 GATCTGATCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 473

Db 345 GATCTGATCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 401

Qy 474 TGTATCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 533

Db 405 AGGTCTCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 461

Qy 534 AGGTCTCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 562

Db 462 TGTCTTACATCTGATCTGATATCTGGGCAATCTTGATACATCTGGGAGCG 490

RESULT 8

US-10-156-761-1

Sequence 41: Application US/1614761

Publication No. US20030138651

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: ONODA, SATOSHI

APPLICANT: ISHIKAWA, JUN

APPLICANT: HORIKAWA, HIROSHI

APPLICANT: SAKAKI, YOSHIOKI

APPLICANT: HATTORI, MASAHISA

TITLE OF INVENTION: SELF-PROCESSING PLANTS AND PLANT PARTS

FILE REFERENCE: 109846.317

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/224,063

CURRENT FILING DATE: 2002-12-12





















Qy 418 TGAACATTTACCTTGTCTGAAGATCTTCCAGAGATTCGACAGATTCAGATTCATTC 477  
 Db 333 ATGTCGACTTACGCTTGTGAGATTCGAGAGATTCGAGATTCGAGATTCAGATTC 392  
 Qy 478 GATTTTCGCGCGACATTCATTC 499  
 Db 393 GACTTTGTCCGACATTCATTC 414

BM62408  
 LOCUS BM62408 657 bp mRNA linear EST 15-FEB-2002  
 DEFINITION 156004962279 5', mRNA sequence.  
 ACCESSION X058620X  
 VERSION BM62408.1  
 KEYWORDS EST  
 SOURCE Anopheles gambiae (African malaria mosquito)  
 ORGANISM Anopheles gambiae

Qy 418 TGAACATTTACCTTGTCTGAAGATCTTCCAGAGATTCGACAGATTCAGATTCATTC 477  
 Db 333 ATGTCGACTTACGCTTGTGAGATTCGAGAGATTCGAGATTCGAGATTCAGATTC 392  
 Qy 478 GATTTTCGCGCGACATTCATTC 499  
 Db 393 GACTTTGTCCGACATTCATTC 414

BM62408  
 LOCUS BM62408 657 bp mRNA linear EST 15-FEB-2002  
 DEFINITION 156004962279 5', mRNA sequence.  
 ACCESSION X058620X  
 VERSION BM62408.1  
 KEYWORDS EST  
 SOURCE Anopheles gambiae (African malaria mosquito)  
 ORGANISM Anopheles gambiae

Qy 418 TGAACATTTACCTTGTCTGAAGATCTTCCAGAGATTCGACAGATTCAGATTCATTC 477  
 Db 333 ATGTCGACTTACGCTTGTGAGATTCGAGAGATTCGAGATTCGAGATTCAGATTC 392  
 Qy 478 GATTTTCGCGCGACATTCATTC 499  
 Db 393 GACTTTGTCCGACATTCATTC 414

BM62408  
 LOCUS BM62408 657 bp mRNA linear EST 15-FEB-2002  
 DEFINITION 156004962279 5', mRNA sequence.  
 ACCESSION X058620X  
 VERSION BM62408.1  
 KEYWORDS EST  
 SOURCE Anopheles gambiae (African malaria mosquito)  
 ORGANISM Anopheles gambiae

Qy 418 TGAACATTTACCTTGTCTGAAGATCTTCCAGAGATTCGACAGATTCAGATTCATTC 477  
 Db 333 ATGTCGACTTACGCTTGTGAGATTCGAGAGATTCGAGATTCGAGATTCAGATTC 392  
 Qy 478 GATTTTCGCGCGACATTCATTC 499  
 Db 393 GACTTTGTCCGACATTCATTC 414

BM62408  
 LOCUS BM62408 657 bp mRNA linear EST 15-FEB-2002  
 DEFINITION 156004962279 5', mRNA sequence.  
 ACCESSION X058620X  
 VERSION BM62408.1  
 KEYWORDS EST  
 SOURCE Anopheles gambiae (African malaria mosquito)  
 ORGANISM Anopheles gambiae

Qy 418 TGAACATTTACCTTGTCTGAAGATCTTCCAGAGATTCGACAGATTCAGATTCATTC 477  
 Db 333 ATGTCGACTTACGCTTGTGAGATTCGAGAGATTCGAGATTCGAGATTCAGATTC 392  
 Qy 478 GATTTTCGCGCGACATTCATTC 499  
 Db 393 GACTTTGTCCGACATTCATTC 414

BM62408  
 LOCUS BM62408 657 bp mRNA linear EST 15-FEB-2002  
 DEFINITION 156004962279 5', mRNA sequence.  
 ACCESSION X058620X  
 VERSION BM62408.1  
 KEYWORDS EST  
 SOURCE Anopheles gambiae (African malaria mosquito)  
 ORGANISM Anopheles gambiae

## FEATURES

1. 657  
 /organism="Anopheles gambiae"  
 /strain="PSP-ST" (Reduced susc. to Permethrin - std.  
 chromosome)  
 /dev\_stage="Adult"  
 /clone="1960049625008"  
 /lab\_host="DH10b"  
 /note="Vector: pSPort; Site 1: SalI; Site 2: NotI; Whole  
 adult mosquitoes (mixed sex) frozen on liquid nitrogen 24  
 hours after humiliated feeding. cDNA inserts 500 bp  
 cloned after humiliated feeding. Reference Resource Center  
 Clones available through the Malaria Research and  
 Reference Reagent Resource Center (www.malaria.mcl.org)"

## BASE COUNT

151 a 135 c 192 g 157 t

## ORIGIN

Query Match 2.11; Score 46; DB 12; Length 657;  
 Local Similarity 57.7; Seed No. 0.03;  
 Matches 82; Conservative 0; Mismatches 50; Indels 0; Gaps 0;

## Qy

358 AGCGCTACCTGATCTGTGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTC 417  
 Db 278 ATGTCGACTTACGCTTGTGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTC 337

## Qy

418 TGAACATTTACCTTGTCTGAAGATCTTCCAGAGATTCGACAGATTCAGATTCATTC 477  
 Db 333 ATGTCGACTTACGCTTGTGAGATTCGAGAGATTCGAGATTCGAGATTCAGATTC 392

## Qy

478 GATTTTCGCGCGACATTCATTC 499  
 Db 393 GACTTTGTCCGACATTCATTC 414

## Db

398 GACTTTGTCCGACATTCATTC 419

151 a 135 c 192 g 157 t

## BASE COUNT

154 a 135 c 192 g 157 t

## ORIGIN

Query Match 2.11; Score 46; DB 13; Length 664;  
 Local Similarity 57.7; Seed No. 0.03;  
 Matches 82; Conservative 0; Mismatches 50; Indels 0; Gaps 0;

## Qy

358 AGCGCTACCTGATCTGTGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTC 417  
 Db 281 ATGTCGACTTACGCTTGTGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTC 340

## Qy

418 TGAACATTTACCTTGTCTGAAGATCTTCCAGAGATTCGACAGATTCAGATTCATTC 477  
 Db 341 ATGTCGACTTACGCTTGTGAGATTCGAGAGATTCGAGATTCGAGATTCAGATTC 400

## Qy

478 GATTTTCGCGCGACATTCATTC 499  
 Db 401 GACTTTGTCCGACATTCATTC 422

## Db

401 GACTTTGTCCGACATTCATTC 422

## FEATURES

1. 664  
 /organism="Anopheles gambiae"  
 /strain="PSP-ST" (Reduced susc. to Permethrin - std.  
 chromosome)  
 /dev\_stage="Adult"  
 /clone="196004962279"  
 /lab\_host="DH10b"  
 /note="Vector: pSPort; Site 1: SalI; Site 2: NotI; Whole  
 adult mosquitoes (mixed sex) frozen on liquid nitrogen 24  
 hours after humiliated feeding. cDNA inserts 500 bp  
 cloned after humiliated feeding. Reference Resource Center  
 Clones available through the Malaria Research and  
 Reference Reagent Resource Center (www.malaria.mcl.org)"

## BASE COUNT

154 a 135 c 192 g 157 t

## ORIGIN

Query Match 2.11; Score 46; DB 13; Length 664;  
 Local Similarity 57.7; Seed No. 0.03;  
 Matches 82; Conservative 0; Mismatches 50; Indels 0; Gaps 0;

## Qy

358 AGCGCTACCTGATCTGTGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTC 417  
 Db 281 ATGTCGACTTACGCTTGTGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTCGAGATTC 340

## Qy

418 TGAACATTTACCTTGTCTGAAGATCTTCCAGAGATTCGACAGATTCAGATTCATTC 477  
 Db 341 ATGTCGACTTACGCTTGTGAGATTCGAGAGATTCGAGATTCGAGATTCAGATTC 400

## Qy

478 GATTTTCGCGCGACATTCATTC 499  
 Db 401 GACTTTGTCCGACATTCATTC 422

## Db

401 GACTTTGTCCGACATTCATTC 422



